

Neighbor-Joining

Árvores filogenéticas

Alan Soledar

Método

- Recebe um arquivo com a matriz de valores
- Faz a soma da média de cada espécie seguindo a fórmula $(\text{somatório } Dx)/(N-2)$ e coloca os valores em um dicionário junto ao nome das espécies
- Procura o menor M seguindo a fórmula $M_{ij}=D_{ij}-S_i-S_j$ e salva as coordenadas de intersecção das duas espécies com menor M em variáveis auxiliares (mx, my)

Método

- Salva as duas espécies em uma string já no formato certo para ser printado pelo biopython “(A:valor1, B:valor2)” onde os valores 1 e 2 são calculados seguindo a fórmula $\text{valor1} = D_{ij}/2 + (S_i - S_j)/2$ e $\text{valor2} = D_{ij}/2 + (S_j - S_i)/2$
- Calcula a distância do ancestral hipotético para todos as outras espécies, salva em uma lista que será uma nova linha e coluna da matriz de valores. Então exclui as linhas e colunas referentes às espécies que se juntaram e repete o processo

Árvore final

